微卫星位点 BEM06 与 BEM23 鉴别烟粉虱 B 型与 Q 型的有效性

褚 栋[1,2,*]，张友军[3,*]，高长生[1,2,4]，刘国霞[1,2]

（1. 山东省农业科学院高新技术研究中心，山东省作物与畜禽品种改良生物技术重点实验室，济南 250100；
2. 农业部黄淮海作物遗传改良与生物技术重点开放实验室，济南 250100；
3. 中国农业科学院蔬菜花卉研究所，北京 100081；4. 青岛农业大学农学与植物保护学院，山东青岛 266109）

摘要：烟粉虱 *Bemisia tabaci*（Gennadius）B 型与 Q 型是烟粉虱复合种中入侵性较强、分布较广的 2 种生物型，当前在许多地区混合发生。这 2 种生物型的快速鉴别对其种群动态调查及入侵生态学研究具有重要价值。为了验证微卫星位点 BEM06 与 BEM23 鉴别 B 型与 Q 型烟粉虱的有效性，本研究分析了这 2 个微卫星位点的等位基因在国内外 17 个 B 型、4 个 Q 型、3 个非 B/Q 型烟粉虱种群的分布特点。结果表明：这 2 个微卫星位点的联合使用可鉴别 B 型与 Q 型烟粉虱，但是无法有效地将 B 型、Q 型与一些非 B/Q 型烟粉虱某些个体区分开来。结果提示：利用微卫星位点 BEM06 与 BEM23 鉴别 B 型与 Q 型烟粉虱具有一定的局限性，尤其是田间烟粉虱存在其他生物型时需要慎重使用这种鉴别方法。

关键词：烟粉虱；微卫星标记；生物型；快速鉴别；生物入侵

中图分类号：Q969 **文献标识码**：A **文章编号**：0454-6296(2009)12-1390-08

Validity of microsatellite loci BEM06 and BEM23 to differentiate *Bemisia tabaci* biotypes B and Q (Hemiptera: Aleyrodidae)

CHU Dong[1,2,*], ZHANG You-Jun[3,*], GAO Chang-Sheng[1,2,4], LIU Guo-Xia[1,2] (1. Key Laboratory for Genetic Improvement of Crop Animal and Poultry of Shandong Province, High-Tech Research Center, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, China; 2. Key Laboratory of Crop Genetic Improvement and Biotechnology, Huanghuaihai, Ministry of Agriculture, People's Republic of China, Jinan 250100, China; 3. Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; 4. Agronomy and Plant Protection, Qingdao Agricultural University, Qingdao, Shandong 266109, China)

Abstract: *Bemisia tabaci* (Gennadius) biotypes B and Q are the two most invasive and widely distributed biotypes within the *B. tabaci* complex and occur mixedly in many regions at present. The rapid differentiation of the two biotypes is significant to the research of their population dynamics and invasion ecology. In order to verify the validity of microsatellite loci BEM06 and BEM23 to differentiate *B. tabaci* biotypes B and Q, the alleles of the two loci in the 17 B-biotype populations, 4 Q-biotype populations and 3 non-B/Q biotype populations were analyzed. The results showed that although the two loci used in combination could differentiate *B. tabaci* biotypes B and Q, they could not differentiate B/Q-biotype individuals from some non-B/Q biotype individuals effectively. The results suggest that the method to differentiate the biotypes B and Q with the two microsatellite loci has its limitations, especially when used for field populations in which other biotypes exist.

Key words: *Bemisia tabaci*; microsatellite markers; biotype; rapid differentiation; biological invasion

烟粉虱 *Bemisia tabaci* (Gennadius)是一种分布广泛的农业害虫(Brown *et al.*, 1995)。该虫通常被视为含有多种生物型(或物种)的复合种，其中 B 型与 Q 型是入侵性较强、分布较广的 2 种生物型(Perring, 2001)。B 型烟粉虱可能起源于北非－中东地区，现已成为了世界性的入侵昆虫(Frohlich *et al.*, 1999；褚栋等, 2004；De Barro *et al.*, 2005；Liu *et al.*, 2007)。Q 型烟粉虱起源于地中海地区，于

基金项目：山东省自然科学杰出青年基金项目(JQ200811)；国家自然科学基金项目(30771410)；国家重点基础研究发展规划项目(2009CB119200)
作者简介：褚栋，男，1977 年生，山东省枣庄人，博士，副研究员，主要从事入侵生物学与分子生态学研究，E-mail: chinachudong@sina.com
＊通讯作者 Authors for correspondence, E-mail: zhangyj@mail.caas.net.cn; chinachudong@sina.com
收稿日期 Received: 2009-09-27；接受日期 Accepted: 2009-11-09

2003 年首次在非地中海地区——中国云南省昆明市发现了该生物型（褚栋等，2005）。随后，在许多国家也有该生物型的报道（Ueda and Brown，2006；Brown，2007；Martinez-Carillo and Brown，2007；Bethke *et al*.，2009）。在我国，烟粉虱在 20 世纪 90 年代中后期暴发危害（张芝利，2000）。研究表明：2007 年以前，B 型烟粉虱是大田作物上烟粉虱的主要生物型（Wu *et al*.，2003；Qiu *et al*.，2007；Wan *et al*.，2009；Teng *et al*.，unpublished）。近年来 Q 型所占比例逐年上升，在某些地区已成为了烟粉虱的优势生物型（褚栋等，2005；Chu *et al*.，2006；徐婧等，2006；Chu *et al*.，2007；Chu *et al*.，unpublished）。相较于 B 型烟粉虱，Q 型具有更大的潜在危害性（褚栋等，2005；Dennehy *et al*.，2005）。当前，B 型与 Q 型烟粉虱在许多国家或地区混合发生，这 2 种生物型的快速鉴别对其种群动态调查及入侵生态学研究具有重要的价值。国内外许多研究机构开展了 B 型与 Q 型烟粉虱快速鉴别的技术研究（Khasdan *et al*.，2005；Ueda，2006；Bosco *et al*.，2006；Jones *et al*.，2007；Tsagkarakou *et al*.，2007；Boukhatem *et al*.，2007；Ko *et al*.，2007；Rabello *et al*.，2008；Shatters *et al*.，2009；McKenzie *et al*.，2009）。

McKenzie 等（2009）研究发现微卫星位点 BEM06 和 BEM23 联合使用可以鉴别美国佛罗里达州的 B 型与 Q 型烟粉虱。该方法尚需进一步的验证：一方面，由于微卫星分子标记具有较高的多态性；另一方面，McKenzie 等（2009）鉴别的烟粉虱种群仅在美国佛罗里达州，种群分布范围十分有限。此外，许多国家（如中国）还存在非 B/Q 型烟粉虱（Wu *et al*.，2003；Qiu *et al*.，2007；Wan *et al*.，2009）。尚不知道这些非 B/Q 型烟粉虱的存在是否干扰利用微卫星位点鉴别 B 型与 Q 型的有效性。

本文在前期研究基础上，检测了来自国内外 17 个 B 型烟粉虱种群、4 个 Q 型烟粉虱种群、3 个非B/Q 型烟粉虱种群（浙江、广东、巴基斯坦种群）的微卫星位点 BEM06 和 BEM23 的等位基因，并分析这些种群微卫星位点等位基因的分布特点，以期确定这 2 个微卫星位点鉴别 B 型与 Q 型的有效性，揭示非 B/Q 型遗传类群个体对这种鉴别方法的可能影响。

1　材料和方法

1.1　供试虫源

为了更大范围地验证微卫星位点方法的有效性，本研究所采用的 B 型烟粉虱包括 11 个国内种群、6 个国外种群；Q 型烟粉虱包括 1 个国内种群、3 个国外种群；非 B/Q 型烟粉虱包括 2 个国内种群、1 个国外种群。这些烟粉虱均采自 2003 年，将成虫浸泡于装有无水乙醇的离心管中，－20℃ 保存备用。利用 mt COⅠ 标记或 RAPD 的方法（褚栋等，2005）初步鉴定的烟粉虱种群，并利用微卫星分子标记对本研究中的每个个体进行了鉴定（褚栋等，未发表资料），鉴定方法如 1.3 中所述。

1.2　单头烟粉虱 DNA 提取、PCR 反应及电泳检测

参照褚栋等（2008）中单头烟粉虱 DNA 提取方法，本研究中使用的所有烟粉虱均重复 15 头左右。本研究中 B 型个体共计 272 头，Q 型个体共计 64 头，非 B/Q 型个体共计 46 头（表 1）。BEM06 与 BEM23 微卫星位点的 PCR 反应体系、反应程序参照褚栋等（2008）。将 PCR 产物上样于同一个 7.0% 的变性聚丙烯酰胺凝胶（SDS-PAGE）中电泳，以减少数据采集时可能产生的误差。在 1 × TBE 缓冲液、恒功率 70W 条件下进行电泳后，银染。根据等位基因的片段大小，判断等位基因；等位基因分子量最大者标记为 a 或 A，依次类推。等位基因缺失则不统计。在本研究中，为了更好地区分 BEM06 与 BEM23 微卫星位点的等位基因，分别以小写字母与大写字母来表示它们的等位基因。

1.3　数据分析及非 B/Q 型烟粉虱个体的聚类分析

根据等位基因统计结果，分析了不同遗传类群个体 BEM06 与 BEM23 微卫星位点的等位基因的分布特点。在数据分析中发现，浙江、广东、巴基斯坦非 B/Q 型烟粉虱种群 BEM06 和 BEM23 位点存在与 B 型或 Q 型烟粉虱个体相同的等位基因。为了进一步确定这些个体的生物型，以已知的以色列 B 型（ILB）、Q 型烟粉虱（ILQ），西班牙 B 型（SPB）、Q 型烟粉虱（SPiQ 和 SPiiQ）为 B 型与 Q 型烟粉虱的对照种群，对这些种群的 11 个微卫星位点（BEM06，BEM11，BEM15，BEM18，BEM23，BEM25，BEM31，BEM37，BEM40，BT-b53，BT-b103）（De Barro *et al*.，2003；Tsagkarakou and Roditakis，2003）进行了 PCR 扩增、变性聚丙烯酰胺凝胶电泳（SDS-PAGE）以及等位基因数据统计，用 Populations 软件（Langella，1999）以 Cavalli-Sforza & Edwards（1967）距离，邻位法（neighbor-joining，NJ）对个体进行了归类分析，以进一步确定这些个体的生物型或遗传类群。

表 1 微卫星分析中使用的烟粉虱样本信息

Table 1 Data of *Bemisia tabaci* samples from China in 2003 and materials from other countries for microsatellite analysis

采集地点 Collection site	种群代码 Population code	寄主植物 Host plant	个体生物型 Individual biotype
B 型 Biotype B			
北京海淀 Haidian, Beijing	BJi	*Cucumis sativus* L.	B
北京海淀 Haidian, Beijing	BJii	*Capsicum annuum* L.	B
海南海口 Haikou, Hainan	HaiN	*Solanun melongena* L.	B
河南郑州 Zhengzhou, Henan	HeN	*Ipomoea batatas* L.	B
江苏南京 Nanjing, Jiangsu	JS	*Gossypium hirsutum* L.	B
山东枣庄 Zaozhuang, Shandong	SDZZ	*Cucumis sativus* L.	B
山东泰安 Tai'an, Shandong	SDTA	*Gossypium hirsutum* L.	B
上海 Shanghai	SH	*Euphorbia pulcherrima* Willd.	B
山西运城 Yuncheng, Shanxi	SX	*Gossypium hirsutum* L.	B
新疆吐鲁番 Turpan, Xinjiang	XJ	*Euphorbia pulcherrima* Willd.	B
浙江杭州 Hangzhou, Zhejiang	ZJ	*Gossypium hirsutum* L.	B
以色列 Israel	ILB	*Gossypium hirsutum* L.	B
西班牙 Spain	SPB	*Solanum lycopersicum* L.	B
美国德克萨斯州 Texas, USA	TX	–	B
美国加利福尼亚 California, USA	CL	*Euphorbia pulcherrima* Willd.	B
美国亚利桑那州 Arizona, USA	AZ	*Hibiscus rosasinensis* L.	B
澳大利亚 Australia	AUS	–	B
Q 型 Biotype Q			
云南昆明 Kunming, Yunnan	YN	*Euphorbia pulcherrima* Willd.	Q (Subclade Q1)*
以色列 Israel	ILQ	*Gossypium hirsutum* L.	Q (Subclade Q2)*
西班牙[1] Spain	SPiQ	*Solanum lycopersicum* L.	Q (Subclade Q1)*
西班牙[2] Spain	SPiiQ	*Solanum lycopersicum* L.	Q (Subclade Q1)*
非 B/Q 型 Non B/Q biotype			
浙江杭州 Hangzhou, Zhejiang	ZJN	*Gossypium hirsutum* L.	Non B/Q (Asia Ⅱ 2)
广东广州 Guangzhou, Guangdong	GD	*Codiaeum variegatum* L.	Non B/Q
巴基斯坦 Pakistan	PK	*Phaseolus vulgaris* L.	Non B/Q

* 见参考文献 Chu 等(2008) See reference Chu *et al*., 2008.

2 结果与分析

2.1 B 型和 Q 型烟粉虱的 BEM06 与 BEM23 位点

17 个 B 型烟粉虱 BEM06 位点中含有 2 个等位基因(a, b), 分别占 1.2% 和 98.8%, 而 4 个 Q 型烟粉虱 BEM06 位点中含有 5 个等位基因(b, c, d, e, f), 其中等位基因(b)占 5.6%(表 2, 3)。这表明 B 型与 Q 型含有相同的等位基因(b)。17 个 B 型烟粉虱 BEM23 位点中含有 1 个等位基因(C), 而 4 个 Q 型烟粉虱 BEM23 位点中含有 2 个等位基因(A, B)(表 2)。这表明: Q 型烟粉虱 BEM23 位点不含有与 B 型烟粉虱完全相同的等位基因。

2.2 非 B/Q 型与 B/Q 型烟粉虱 BEM06 与 BEM23 位点分析

浙江非 B/Q 型烟粉虱 BEM06 位点中含有 2 个等位基因(b, f), BEM23 位点中含有 1 个等位基因(C); 广东非 B/Q 型烟粉虱 BEM06 位点中含有 1 个等位基因(f), BEM23 位点中含有 2 个等位基因(A, B); 巴基斯坦非 B/Q 型烟粉虱 BEM06 位点中含有 4 个等位基因(a, b, e, f), BEM23 位点中含有 1 个等位基因(B)(表 2)。

表 2　烟粉虱不同生物型 BEM06 与 BEM23 位点等位基因分析

Table 2 Analysis of alleles in the microsatellite loci BEM06 and BEM23 within *Bemisia tabaci* biotypes

种群代码 Population code	个体代码 Individual code	个体数量 Number of individuals	BEM06 的等位基因 Alleles in the locus BEM06	BEM23 的等位基因 Alleles in the locus BEM23
B 型 Biotype B				
BJi		16	b	C
BJii		16	b	C
HaiN		16	b	C
HeN		16	b	C
JS		16	b	C
SDZZ		16	b	C
SDTA		16	b	C
SH		16	b	C
SX		16	b	C
XJ		16	b	C
ZJ		16	b	C
ILB	ILB1 – ILB16	16	b	C
SPB	SPB1 – SPB16	16	a, b	C
TX		16	b	C
CL		16	b	C
AZ		16	b	C
AUS		16	a, b	C
Q 型 Biotype Q				
YN		16	c, d, e, f	A
ILQ	ILQ1 – ILQ16	16	c	B
SPiQ	SPiQ1 – SPiQ16	16	c	A, B
SPiiQ	SPiiQ1 – SPiiQ16	16	b, c, d, e	B
非 B/Q 型 Non B/Q biotype				
ZJN	ZJ1 – ZJ14	14	b, f	C
GD	GD1 – GD16	16	f	A, B
PK	PK1 – PK16	16	a, b, e, f	B

a – f: BEM06 不同的等位基因 Different alleles in locus BEM06; A – C: BEM23 不同的等位基因 Different alleles in locus BEM23. 表 3 同 The same for Table 3.

表 3　烟粉虱不同生物型 BEM06 与 BEM23 位点等位基因及其百分比

Table 3 The alleles in BEM06 and BEM23 and their percentages within *Bemisia tabaci* biotypes

生物型 Biotypes	BEM06 等位基因及其百分比 Alleles in BEM06 and their percentages	BEM23 等位基因及其百分比 Alleles in BEM23 and their percentages
B 型 Biotype B	a(1.2), b(98.8)	C(100)
Q 型 Biotype Q	b(5.6), c(66.7), d(14.8), e(9.3), f(3.7)	A(32.7), B(67.3)
非 B/Q 型 Non B/Q biotype	a(8.9), b(35.7), e(8.9), f(46.4)	A(11.5), B(34.6), C(53.8)

与 B 型烟粉虱 BEM06 与 BEM23 位点相比，浙江非 B/Q 型烟粉虱一些个体在 2 个位点上分别含有相同的等位基因，利用这 2 个位点不能将浙江非 B/Q 型与上述 B 型区分开来；基于这 2 个位点，广东、巴基斯坦非 B/Q 型则可与上述 B 型区分开。与 Q 型烟粉虱 BEM06 与 BEM23 位点相比，广东、巴基斯坦非 B/Q 型烟粉虱一些个体在 2 个位点上分别含有相同的等位基因；而浙江非 B/Q 型烟粉虱则没有(表 2)。

从整体上讲，这些非 B/Q 型烟粉虱个体在 BEM06 位点上含有的等位基因(a, b, e, f)(分别占 8.9%, 35.7%, 8.9% 和 46.4%)，在 BEM23 位点上含有的等位基因(A, B, C)(分别占 11.5%, 34.6% 和 53.8%)，在 B 型、Q 型烟粉虱种群中均存在(表 3)。这表明，仅仅基于这 2 个位点无法有效地将 B 型或 Q 型个体从非 B/Q 型烟粉虱中鉴别出来。

2.3 非 B/Q 型烟粉虱个体的聚类分析

基于 11 个微卫星位点构建的聚类图(图 1)所示，所有烟粉虱个体可分为 5 个遗传类群，B 型烟粉虱与 Q 型烟粉虱个体分别聚为一个类群，而浙江、广东、巴基斯坦种群所有个体均分别聚类为一支，没有个体归为 B 型类群或 Q 型类群。因此，这些结果表明：尽管浙江、广东、巴基斯坦种群在 BEM06 与 BEM23 位点具有与 B 型或 Q 型相同的等位基因，但是这些个体仍然是非 B/Q 型烟粉虱。

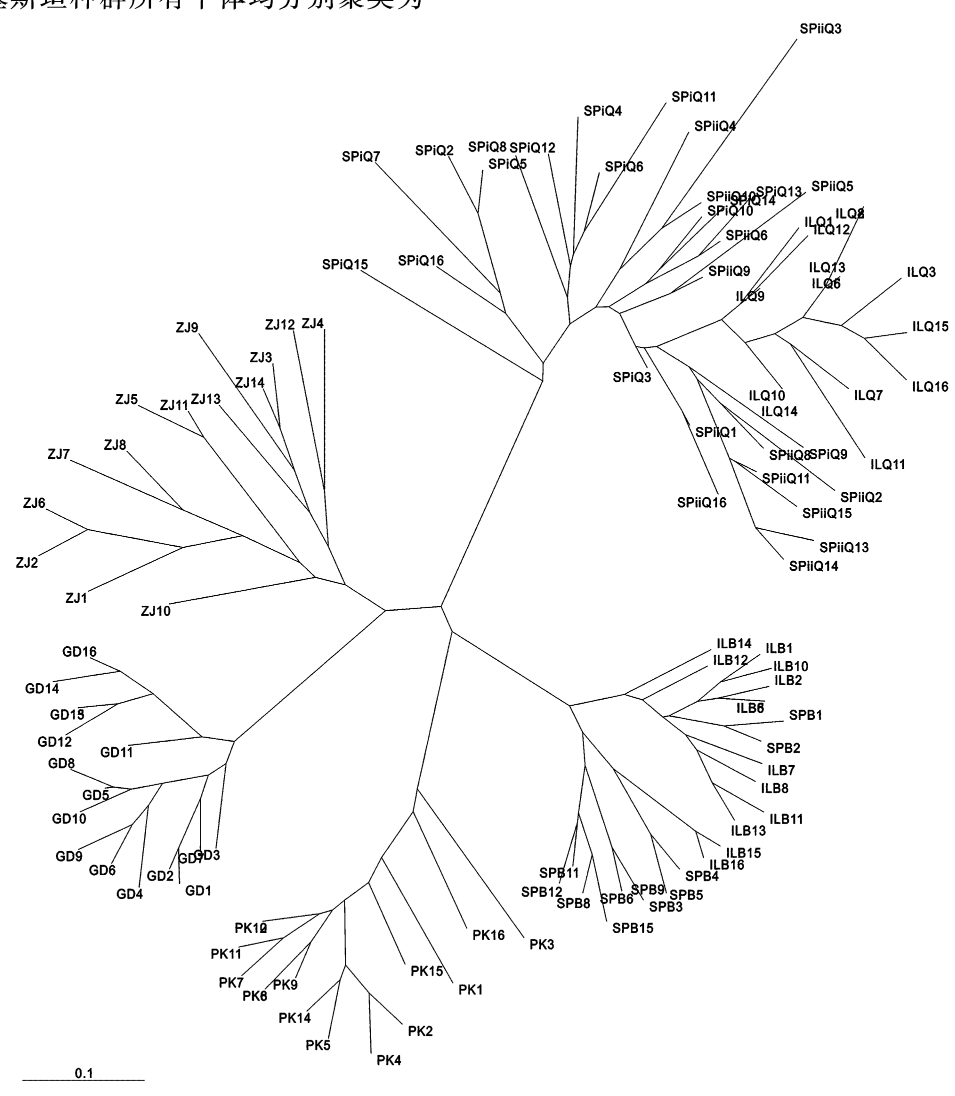


图 1 烟粉虱不同种群中个体的聚类图(NJ 法)

Fig. 1 Phylogenetic tree of the individuals within the different *Bemisia tabaci* populations (NJ method)

烟粉虱个体代码如表 2 中所示。The individual codes are as listed in Table 2.

3 结论与讨论

微卫星分子标记在鉴别 B 型与 Q 型烟粉虱中具有易于检测的优点，如果微卫星位点能够区分 B 型与 Q 型烟粉虱，那么这种方法可以大批量地快速鉴别 B 型与 Q 型烟粉虱个体。在我们的前期实践中，试图利用微卫星位点 BEM06 的等位基因来鉴别 Q 型与 B 型烟粉虱，但是实验中发现 BEM06 的等位基因有时无法有效鉴别 Q 型与 B 型。BEM06 与 BEM23 位点的联合使用(McKenzie *et al.*, 2009)为鉴别 B 型与 Q 型烟粉虱提供了新的思路。在 McKenzie 等(2009)的研究中，BEM06 在 Q1 线粒体型[在 Chu 等(2008)中为烟粉虱 Q2 型]也有等位基因(217 bp)与 B 型烟粉虱的相同，该等位基因分别占 Q1 线粒体型、B 型的 1% 与 98%。我们在对塞浦路斯的 Q 型(即烟粉虱 Q2 型)BEM06 位点分析时也发现有少量个体与 B 型烟粉虱等位基因相同(褚栋等，未发表数据)，这与 McKenzie 等(2009)的研究结果是一致的。在本研究中也发现西班牙 Q 型

(SPiiQ)[在 Chu 等(2008)中为烟粉虱 Q1 型]少数个体与 B 型烟粉虱具有相同的等位基因。这说明 BEM06 不仅在烟粉虱 Q2 型个体中而且在烟粉虱 Q1 型个体中均有与 B 型烟粉虱等位基因相同的个体。在本研究中，BEM23 位点的等位基因可以区分 B 型与 Q 型。而在 McKenzie 等(2009)的研究中，微卫星位点 BEM23 在 Q1 线粒体型[在 Chu 等(2008)中为烟粉虱 Q2 型]有 1% 的等位基因与 B 型烟粉虱的等位基因相同。本研究中以色列 Q 型(ILQ1 ~ ILQ16)(即烟粉虱 Q2 型)则没有发现这种现象。这可能与 Q2 型烟粉虱采集样品不同有关。上述结果表明，虽然 Q 型烟粉虱在 BEM06 或 BEM23 位点上与 B 型烟粉虱具有相同等位基因的个体比例较低，但是仅仅使用 BEM06 或 BEM23 单一位点无法有效地鉴别 Q 型与 B 型烟粉虱。

在本研究中，联合使用 BEM06 和 BEM23 这 2 个微卫星位点能鉴别 B 型与 Q 型烟粉虱，该结果基本与 McKenzie 等(2009)的研究结论是一致的。因此，对于特定的混合种群(如室内这两种生物型竞争实验等)或局部地区烟粉虱 B 型、Q 型混合种群，使用这两个微卫星位点来快速鉴别这 2 种生物型具有一定的价值。但是，由于微卫星分子标记具有较高的多态性，不同地区 B 型与 Q 型烟粉虱的微卫星位点可能还存在较高的遗传变异性，因此，在更大范围内、更多 B 型与 Q 型烟粉虱个体的鉴定过程中，最好结合其他方法进一步验证烟粉虱的生物型。

本研究也发现即使联合使用 BEM06 和 BEM23 这 2 个微卫星位点，仍然无法有效地将 B 型、Q 型与一些非 B/Q 型烟粉虱某些个体(如浙江非 B/Q 型烟粉虱)区分开来。Boykin 等(2007)分析表明烟粉虱至少可分为 12 个主要遗传类群。最近一些学者认为烟粉虱至少包括 24 个遗传类群(或物种)，而在我国至少有 8 个土著的遗传类群(Asia Ⅱ 1, Asia Ⅱ 2, Asia Ⅱ 3, Asia Ⅱ 4, Asia Ⅱ 6, Asia Ⅱ 7, China 1, China 2)(De Barro *et al.*, unpublished)。这些非 B/Q 型烟粉虱的存在可能会干扰这 2 个位点鉴别 B 型与 Q 型的有效性。此外，有时因不同类群的遗传差异或 DNA 质量等因素会导致微卫星位点的缺失，这也会影响该分子标记在生物型鉴别上的有效性。因此，利用 2 个微卫星位点来鉴别 B 型与 Q 型有一定的局限性，尤其在田间种群存在其他生物型时需要慎重使用这种鉴别方法。

致谢　澳大利亚 CSIRO 昆虫所 P. J. De Barro 博士以及希腊国家农业研究基金会(NAGREF) A. Tsagkarakou 博士为本研究及时提供相关资料，并对微卫星分子标记相关技术给予有益的建议；美国 Arizona 大学 Judy K. Brown 博士，美国农业部 Matthew Ciomperlik 博士，以色列 Volcani Center 农业研究中心 Rami Horowitz 博士，美国加州大学毕建龙博士，中国农业科学院植物保护研究所万方浩研究员，雷仲仁研究员和韩兰芝博士，浙江大学昆虫科学研究所刘树生教授，北京市农林科学院植物保护环境保护研究所罗晨研究员及昆虫生理生态国际研究所夏云龙博士为本项研究提供了国内外烟粉虱种群，河南省农业科学院植物保护研究所昆虫组刘爱芝、李素娟等老师在烟粉虱采集中提供了帮助，在此表示感谢！

参 考 文 献 (References)

Bethke JA, Byrne FJ, Hodges GS, McKenzie CL, Shatters RG, 2009. First record of the Q biotype of the sweetpotato whitefly, *Bemisia tabaci*, in Guatemala. *Phytoparasitica*, 37 (1): 61 – 64.

Bosco D, Loria A, Sartor C, Cenis JL, 2006. PCR-RFLP identification of *Bemisia tabaci* biotypes in the Mediterranean basin. *Phytoparasitica*, 34 (3): 243 – 251.

Boukhatem N, Jdaini S, Muhovski Y, Jacquemin JM, Bouali A, 2007. Identification of *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) based on RAPD and design of two SCAR marker. *Journal of Biological Research-Thessaloniki*, 8: 167 – 176.

Boykin LM, Shatters RG, Rosell RC, McKenzie CL, Bagnall RA, De Barro PJ, Frohlich DR, 2007. Global relationships of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) revealed using Bayesian analysis of mitochondrial COI DNA sequences. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 44: 1 306 – 1 319.

Brown JK, Frohlich DR, Rosell RC, 1995. The sweetpotato or silverleaf whiteflies: Biotype of *Bemisia tabaci* or a species complex. *Ann. Rev. Entomol.*, 40: 511 – 534.

Brown JK, 2007. The *Bemisia tabaci* complex: Genetic and phenotypic variability drives begomovirus spread and virus diversification. http://www.apsnet.org/online/feature/btabaci/.

Cavalli-Sforza LL, Edwards AWF, 1967. Phylogenetic analysis: Models and estimation procedures. *Am. J. Hum. Genet.*, 19: 233 – 257.

Chu D, Jiang T, Liu GX, Jiang DF, Tao YL, Fan ZX, Zhou HX, Bi YP, 2007. Biotype status and distribution of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in Shandong Province of China based on mitochondrial DNA markers. *Environ. Entomol.*, 36(5): 1 290 – 1 295.

Chu D, Wan FH, Xiao LF, Xu BY, Wu QJ, Zhu GR, Zhang YJ, 2008. Thiamethoxam application can decrease the genetic diversity of *Bemisia tabaci* (Gennadius) biotype B. *Acta Entomol. Sin.*, 51 (2): 150 – 154. [褚栋，万方浩，肖利锋，徐宝云，吴青君，朱国仁，张友军，2008. 噻虫嗪的施用可降低了 B 型烟粉虱群体的遗传多样性. 昆虫学报，51(2): 150 – 154]

Chu D, Wan FH, Tao YL, Liu GX, Fan ZX, Bi YP, 2008. Genetic

differentiation of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) biotype Q based on mitochondrial DNA markers. *Insect Science*, 15: 115 – 123.

Chu D, Zhang YJ, Brown JK, Cong B, Xu BY, Wu QJ, Zhu GR, 2006. The introduction of the exotic Q biotype of *Bemisia tabaci* from the Mediterranean region into China on ornamental crops. *FLA Entomol.*, 89(2): 168 – 174.

Chu D, Zhang YJ, Cong B, Xu BY, Wu QJ, 2004. The invasive mechanism of a world important pest, *Bemisia tabaci* (Gennadius) biotype B. *Acta Entomol. Sin.*, 47 (3): 400 – 406. [褚栋, 张友军, 丛斌, 徐宝云, 吴青君, 2004. 世界性重要害虫B型烟粉虱的入侵机制. 昆虫学报, 47(3): 400 – 406]

Chu D, Zhang YJ, Cong B, Xu BY, Wu QJ, Zhu GR, 2005. Sequences analysis of mtDNA COI gene and molecular phylogeny of different geographical populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius). *Sci. Agric. Sin.*, 38 (1): 76 – 85. [褚栋, 张友军, 丛斌, 徐宝云, 吴青君, 朱国仁, 2005. 烟粉虱不同地理种群的 mtDNA COI 基因序列分析及其系统发育. 中国农业科学, 38(1): 76 – 85]

De Barro PJ, Scott KD, Graham GC, Lange CL, Schutze MK, 2003. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Bemisia tabaci*. *Mol. Ecol. Notes*, 3 (1): 40 – 43.

De Barro PJ, Trueman JWH, Frohlich DR, 2005. *Bemisia argentifolii* is a race of *B. tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae): the molecular genetic differentiation of *B. tabaci* populations around the world. *Bull. Entomol. Res.*, 95: 193 – 203.

Dennehy TJ, Degain BA, Harpold VS, Brown JK, Morin S, Fabrick JA, Byrne FJ, Nichols RL, 2005. New challenges to management of whitefly resistance to insecticides in Arizona. In: University of Arizona Cooperative Extension, Vegetable Report. 31 pp. [http://cals.Arizona.edu/pubs/crops/az1382/az1382_2.pdf]

Frohlich DR, Torres-Jerez I, Bedford ID, Markham PG, Brown JK, 1999. A phylogeographical analysis of the *Bemisia tabaci* species complex based on mitochondrial DNA markers. *Mol. Ecol.*, 8 (10): 1 683 – 1 691.

Jones CW, Gorman K, Williamson MW, Denholm I, 2007. High throughput allelic discrimination of B- and Q-biotypes of the whitefly, *Bemisia tabaci*, using TaqMan allele-selective PCR. *Pest Manag. Sci.*, 64: 12 – 15.

Khasdan V, Levin I, Rosner A, Morin S, Kontsedalov S, Maslenin L, Horowitz AR, 2005. DNA markers for identifying biotypes B and Q of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) and studying population dynamics. *Bull. Entomol. Res.*, 95: 605 – 613.

Ko CC, Huang YC, Wang CH, 2007. Sequence characterized amplified region markers for identifying biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *J. Appl. Entomol.*, 131(8): 542 – 547.

Langella O, 1999. POPULATIONS 1.2.30: Population genetic software (individuals or populations distances, phylogenetic trees). http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/.

Liu SS, De Barro PJ, Xu J, Luan JB, Zang LS, Ruan YM, Wan FH, 2007. Asymmetric mating interactions drive widespread invasion and displacement in a whitefly. *Science*, 318: 1 769 – 1 772.

Martinez-Carillo JL, Brown JK, 2007. First report of the Q biotype of *Bemisia tabaci* (Gennadius) in southern Sonora, Mexico. *Phytoparasitica*, 35(3): 282 – 284.

McKenzie CL, Hodges G, Osborne LS, Byrne FJ, Shatters Jr RG, 2009. Distribution of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) biotypes in Florida-investigating the Q invasion. *J. Econom. Entomol.*, 102 (2): 670 – 676.

Perring TM, 2001. The *Bemisia tabaci* species complex. *Crop Protection*, 20(9): 725 – 737.

Qiu BL, Coats SA, Ren SX, Idris AM, Xu C, Brown JK, 2007. Phylogenetic relationships of native and introduced *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae) from China and India based on mtCOI DNA sequencing and host plant comparisons. *Progress in Natural Science*, 17(6): 645 – 654.

Rabello AR, Queiroz PR, Simões KCC, Hiragi CO, Lina LHC, Oliveira MRV, Mehta A, 2008. Diversity analysis of *Bemisia tabaci* biotypes: RAPD, PCR-RFLP and sequencing of the ITS1 rDNA region. *Genet. Mol. Biol.*, 31(2): 585 – 590.

Shatters RG, Powell CA, Boykin LM, Liansheng H, Mckenzie CL, 2009. Improved DNA barcoding method for *Bemisia tabaci* and related Aleyrodidae: Development of universal and *Bemisia tabaci* biotype-specific mitochondrial cytochrome c oxidase I polymerase chain reaction primers. *J. Econom. Entomol.*, 102(2): 750 – 758.

Tsagkarakou A, Roditakis N, 2003. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Mol. Ecol. Notes*, 3: 196 – 198.

Tsagkarakou A, Tsigenopoulos CS, Gorman K, Lagnel J, Bedford ID, 2007. Biotype status and genetic polymorphism of the whitefly *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) in Greece: Mitochondrial DNA and microsatellites. *Bull. Entomol. Res.*, 97: 29 – 40.

Ueda S, 2006. Simple and rapid detection by mtCOI PCR-RFLP to distinguish the Q biotype of *Bemisia tabaci*. *Kyushu Plant Protection Research*, 52: 44 – 48.

Ueda S, Brown JK, 2006. First report of the Q biotype of *Bemisia tabaci* in Japan by mitochondrial cytochrome oxidase I sequence analysis. *Phytoparasitica*, 34: 405 – 411.

Wan FH, Zhang GF, Liu SS, Luo C, Chu D, Zhang YJ, Zang LS, Jiu M, Lv ZC, Cui XH, Zhang LP, Zhang F, Zhang QW, Liu WX, Liang P, Lei ZR, Zhang YJ, 2009. Invasive mechanism and management strategy of *Bemisia tabaci* (Gennadius) biotype B: Progress report of 973 Program on invasive alien species in China. *Science in China Series C – Life Science*, 52(1): 88 – 95.

Wu XX, Li ZX, Hu DX, Shen ZR, 2003. Identification of Chinese populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) by analyzing ribosomal ITS1 sequence. *Progress in Natural Science*, 13: 276 – 281.

Xu J, Wang WL, Liu SS, 2006. The occurrence and infestation of *Bemisia tabaci* biotype Q in partial regions of Zhejiang Province. *Plant Protection*, 32(4): 121. [徐婧, 王文丽, 刘树生, 2006. Q型烟粉虱在浙江局部地区大量发生危害. 植物保护, 32(4): 121]

Zhang ZL, 2000. Some thoughts to the outbreaks of tobacco whitefly. *Beijing Agricultural Sciences*, 18 (Suppl. – *Bemisia tabaci* special issue): 1 – 3. [张芝利, 2000. 关于烟粉虱大发生的思考. 北京农业科学, 18(增刊——烟粉虱专辑): 1 – 3]

(责任编辑:袁德成)